



Actes des journées coton du Cirad-ca

Montpellier, du 20 au 24 juillet 1998

**Programme Coton
Cirad-ca
Juillet 1998**



EVALUER PRÉCOCEMENT DES CROISEMENTS EN F3 : UN OUTIL POUR L'AMÉLIORATION DU RENDEMENT CHEZ LE COTONNIER.

LANÇON Jacques

CIRAD-CA-Programme Coton

Projet d'Appui à la Recherche Agronomique du Bénin, 01 BP 715, Cotonou

Introduction

En 50 ans, grâce à la recherche et à la création variétale en particulier, la production cotonnière a fait des progrès considérables en Afrique francophone tant en productivité qu'en technologie puisque les variétés de cette région se sont hissées parmi les meilleures de la catégorie des *Upland* à fibre moyenne (CIRAD-CA, 1997).

Ce résultat a été obtenu avec des variétés de coton assimilées génétiquement à des lignées pures et créées suivant des méthodes de sélection qui ont prouvé leur efficacité pour améliorer les caractères moyennement à fortement héréditaires (rendement à l'égrenage, précocité, qualité de la fibre). Néanmoins, ces mêmes méthodes ont aussi montré leurs limites pour l'amélioration de la productivité dont l'expression est masquée par l'importance relative de l'environnement et par la complexité des effets génétiques en jeu, notamment les interactions de dominance ou d'épistasie (Lançon, 1994).

Aujourd'hui, plusieurs raisons poussent à élargir cette stratégie :

- 1) la variabilité génétique utilisée tend à diminuer ainsi d'ailleurs que l'hérédité des caractères : on peut donc s'attendre à ce que les autres effets génétiques, notamment ceux du type épistatique, ne puissent plus être négligés ;
- 2) le contexte de la production cotonnière change, ce qui se traduit par l'affaiblissement des transformateurs (égreneurs, filateurs) et le renforcement des producteurs dont l'importance politique et économique croît avec le démantèlement des filières et la mise en oeuvre de politiques d'appui à la professionnalisation ;
- 3) l'encadrement technique plus lâche et la suppression des subventions aux intrants conduisent à une plus grande diversité d'itinéraires techniques, notamment vers l'extensification.

Le sélectionneur doit s'adapter à cette évolution en prenant en compte les nouvelles priorités des producteurs, en particulier, plus de rusticité et plus de productivité au champ¹ et en identifiant une méthode de travail qui tienne compte de la baisse globale effective ou potentielle de la variabilité génétique additive.

L'objet de cet article est de proposer une approche susceptible de répondre aux deux derniers enjeux. Basée sur l'évaluation précoce de croisements (Lançon et al, soumis), cette méthode est d'abord présentée et discutée au niveau théorique. Un dispositif de terrain est ensuite proposé et

¹ Mais aussi, bien que ce thème ne soit pas abordé ici, un recentrage sur les caractères technologiques objectivement rentables

comparé, notamment en terme de coût, à un dispositif plus traditionnel. Enfin, à travers un cas concret, le lecteur pourra se familiariser avec l'analyse statistique du dispositif.

Le dispositif d'évaluation précoce (E.P.)

1. Quelques questions préalables

1.1. Sélectionner dès la F2 ?

En sélectionnant des plantes de génération F2, l'efficacité est directement liée à la proportion de la variance génétique additive, *ie* à l'héritabilité au sens étroit h^2_N . La réponse à la sélection est en effet de la forme :

$$R = i h^2_N \sigma_p = i \sigma^2_A / \sigma_p$$

où σ^2_p est la variance phénotypique, σ^2_A est la variance génétique additive

et i est l'intensité de sélection, qui varie en fonction du pourcentage de plantes choisies

Pour de nombreux caractères agronomiques, l'héritabilité mesurée sur la base de plantes individuelles en F2 est faible (tab. 1). La plupart de la variation n'est pas additive et la sélection sera très peu efficace, biaisée par des variations de nature micro-environnementale ou génétiquement non additives.

Tableau 1.- Estimation des héritabilités au niveau plante (en %) dans deux dispositifs à forte et à faible densité, au sens large et au sens étroit (d'après Lançon *et al*, soumis).

| Caractéristique | %F | SI | NCF | NBV | HT | LBV |
|------------------------------------|----|----|-----|-----|----|-----|
| <i>Héritabilité au sens large</i> | | | | | | |
| Densité de culture | 75 | 66 | 55 | 16 | 57 | 26 |
| Densité de pépinière | 69 | 69 | 30 | 14 | 52 | 39 |
| <i>Héritabilité au sens strict</i> | | | | | | |
| Densité de culture | 75 | 29 | 7 | 16 | 33 | 14 |
| Densité de pépinière | 69 | 17 | 15 | 14 | 30 | 11 |

%F : rendement à l'égrenage (%) ; SI : poids de 100 graines (g) ; NCF : nombre de capsules portées par les branches fructifères ; NBV : nombre de branches végétatives ; HT : taille la plante (cm) ; LBV : longueur des plus longues branches végétatives (cm)

1.2. Sélectionner à l'intérieur ou entre les croisements ?

A moyens constants, est-il préférable de concentrer les efforts de sélection sur un petit nombre de croisements choisis *a priori* ou d'en réaliser de nombreux pour ne retenir que les plus prometteurs mais au prix d'une pression de sélection inférieure sur chacun d'eux ? Les simulations réalisées par Fouilloux (1982) montrent que le choix dépend d'abord de l'hérédité du caractère : si la part de la variance génétique additive est faible, alors on progressera mieux en observant la variation entre croisements plutôt qu'à l'intérieur de ceux-ci. Inversement, tant que la variance génétique additive est forte, il sera plus efficace de faire peu de croisements entre

parents bien choisis.

Or, après plusieurs décennies de sélection, il est probable que la part d'additivité dans la variabilité génétique travaillée pour l'amélioration du cotonnier est en baisse et que la meilleure stratégie passe par la multiplication et l'évaluation de nombreux croisements plutôt que par une exploitation intensive d'un petit nombre d'entre eux.

1.3. Comment évaluer les croisements ?

Si on accepte de réaliser de nombreux croisements pour n'en retenir qu'un petit nombre, la sélection devra être basée sur la valeur moyenne et la variance génétique additive de ces croisements (Lançon *et al*, soumis) :

- 1) les parents permettent une estimation de la valeur en lignée sous deux conditions : absence d'épistasie et gènes favorables non répartis ;
- 2) la F1 ne ségrège pas (pas de variance génétique) et sa moyenne est faussée par la présence de dominance
- 3) la F2 ségrège mais sa variance inclut à la fois variance génétique et variance environnementale. De plus, sa valeur moyenne reste assez fortement marquée par la dominance.
- 4) enfin, la génération F3 ségrège et de plus, elle est la première qui puisse être structurée en familles (lignées) et cultivée en conditions normales de densité. Les composantes génétiques de la variance et de la moyenne peuvent donc être évaluées plus facilement et dans des conditions plus proches de celles du milieu réel.

Kearsey et Pooni ont d'ailleurs calculé que l'efficacité d'une sélection dans un croisement sur la moyenne de lignées F3 (ou F_{∞}) est d'autant plus efficace que l'héritabilité du caractère est plus faible (tab. 2).

Tableau 2.- Facteur multiplicatif de la réponse à la sélection en F3 et F_{∞} en comparaison d'une sélection en F2 (d'après Kearsey and Pooni, 1996).

| Héritabilité | Sélection en F3 (20 plantes par lignée) | Sélection en F_{∞} |
|--------------|--|---------------------------|
| 0.50 | 1.4 | 2.0 |
| 0.30 | 1.7 | 2.5 |
| 0.10 | 2.6 | 4.1 |
| 0.05 | 3.2 | 5.2 |

Nota: on peut montrer que le ratio de dominance ne modifie pas ce résultat

D'après ce tableau, on peut d'ailleurs conclure à la supériorité absolue du choix en fin de fixation, ce qui est le but fixé à la *ssd* (*single seed descent*). Mais si la progression dans l'homozygotie permet de mieux cerner la variance génétique additive (conditions idéales pour la sélection de lignées pures), cette progression a un coût, qui est la perte d'information (de sélection) sur les générations précédentes et la perte aléatoire de matériel génétique (dérive). En effet, si en moyenne on conserve le même nombre de plantes d'une génération à l'autre, par simple dérive statistique la descendance devrait suivre une loi de Poisson de moyenne $\mu=1$. La fréquence des plantes sans descendance ($p=0$) sera de $e^{-\mu}$ soit 37% dès le passage de la première à la seconde génération, 60% de la seconde à la troisième *etc.* Or, même en semant plusieurs

graines d'un même génotype par poquet, ce qui augmente ses chances de participer à la génération suivante, on a noté pendant la conduite d'une *ssd* (Lançon, 1995) que 15 à 20% du matériel génétique disparaît de façon accidentelle à chaque génération.

Pratiquer l'évaluation des croisements sur une F3 structurée apporte donc un bon équilibre entre coût et efficacité.

En résumé, elle permet :

- 1) d'évaluer la valeur génétique à partir de moyennes de plantes ou de lignées, ce qui réduit la part de la variation environnementale dans la variation totale ;
- 2) de tester des populations de plantes en condition normale de culture, notamment de densité et de compétition, ce qui minimise l'interaction génotype x milieu ;
- 3) enfin, après une génération d'autofécondation en F2, la part de la variation génétique additive augmente dans la variance génétique totale.

2. L'essai d'évaluation précoce

Des descendances F3 de croisements sont comparées dans des conditions normales de densité, au sein d'un dispositif statistique en (3) blocs complets. Chaque croisement est représenté par un échantillonnage de lignées F3 (au moins 30) qui permettra d'apprécier la variabilité entre lignées d'un même croisement et à l'intérieur de chaque lignée. Inclus dans l'essai, les deux parents serviront de référence pour une estimation parallèle de la variance environnementale.

2.1. Analyse statistique

L'analyse statistique du dispositif doit d'abord permettre de répondre aux deux questions prioritaires : quels sont les meilleurs croisements et, dans ces croisements, quelles sont les meilleures lignées ?

2.1.1. Y a-t-il des différences entre moyennes de croisements ? L'analyse de variance globale du dispositif (tab 3) permet de tester le niveau de signification du carré moyen contenant le terme $Q(C)$ et de conclure quant à l'existence de différences globales entre tous les croisements.

Tableau 3.- Analyse de la variance pour un essai avec c croisements, f lignées par croisement et r répétitions (cf annexe pour le cas où c=3, f=5 et r=2).

| Source de variation | dl | CM | E (CM) | Test |
|-------------------------------|----------------------------------|----|---|-------|
| Entre croisements | $c-1 = 2$ | m1 | $\sigma^2_{W1} + r \sigma^2_{B1} + rf Q(C)$ | m1/m2 |
| Entre lignées dans croisement | $c \times (f-1) = 12$ | m2 | $\sigma^2_{W1} + r \sigma^2_{B1}$ | m2/m3 |
| Intra lignées | $(c \times f) \times (r-1) = 15$ | m3 | σ^2_{W1} | |
| totale | $(c \times f \times r)-1 = 29$ | | | |

Si la moyenne de chaque ligne est obtenue à partir de l'observation de plusieurs plantes, on dispose alors d'une évaluation plus précise de la variance intra-lignée, qui complète celle estimée à partir de la variance entre répétitions.

2.1.2. Quels sont les meilleurs croisements ? A chaque croisement est associée une espérance de progrès génétique qui peut être évaluée à partir de la moyenne et de la variance des lignées

F3 (tab. 4) et en choisissant une intensité de sélection (Lançon *et al*, soumis). On montrera (cf 2.2.3) que la variance entre lignées F3 est égale à la moitié de la variance génétique additive (A) du croisement.

Tableau 4.- Estimation du progrès génétique réalisable dans chaque croisement.

| Croisement | Moyenne des lignées | Variance inter-lignées | Progrès génétique estimé |
|------------|---------------------|------------------------|---|
| A x B | X_{AB} | Var_{AB} | $X_{AB} + 0.798 \times \sqrt{(0.20 \times Var_{AB})}$ |
| A x C | X_{AC} | Var_{AC} | $X_{AC} + 0.798 \times \sqrt{(0.20 \times Var_{AC})}$ |
| B x D | X_{BD} | Var_{BD} | $X_{BD} + 0.798 \times \sqrt{(0.20 \times Var_{BD})}$ |
| etc | | | |

$h_N^2 = 0,10$

Var_{AB} représente la moitié de la variance additive du croisement $A \times B$ et avec une pression de sélection de 0.5 correspondant à $k = 0.798$

2.1.3. Quelles sont les meilleures lignées dans chaque croisement ? La même analyse de la variance permet de départager les lignées appartenant à un même croisement sur la base de leur valeur moyenne et de leur variance, lorsque celle-ci est disponible (cas où l'on dispose de plusieurs données par lignée).

2.2. Analyses génétiques

2.2.1. Rappel : cas de deux gènes Pour se familiariser avec les notations de Kearsey et Pooni (1996) et pour pouvoir interpréter plus facilement les résultats de l'analyse génétique, on considèrera le cas simple d'un caractère gouverné par deux gènes A et B, dont les valeurs additives sont $a(A)$ et $a(B)$ et celles de dominance sont $d(A)$ et $d(B)$.

Les effets moyens de ces gènes sur l'expression du caractère s'écriront donc $[a]$ et $[d]$ et leurs variances A et D.

Suivant la manière dont les gènes favorables sont répartis chez les deux parents, les paramètres tirés de leur observation et de celle de la F3 seront modifiés (tab. 5) et notamment nos conclusions quant à l'importance relative des effets d'additivité ou de dominance.

Tableau 5.- Situation à deux gènes avec dominance unidirectionnelle (modèle A-D sans épistasie).

| Structure | valeur additive a | valeur de dominance | rapport de dominance |
|---|-------------------|---------------------|----------------------|
| gène A | a = 4 | d = 1 | d/a = 0.25 |
| gène B | a = 2 | d = 3 | d/a = 1.50 |
| génotype | [a] = 6 | [d] = 4 | [d]/[a] = 0.67 |
| variance | A = 20 | D = 10 | rac(D/A) = 0.71 |
| Si les gènes sont concentrés chez un seul parent (association ou <i>coupling</i>), P1 = 6 et P2 = -6, F3 = 1 | | | |
| ensemble | [a] = 6 | [d] = 4 | [d]/[a] = 0.67 |
| Si les gènes sont répartis entre les parents (dispersion ou <i>repulsion</i>), P1 = 2 et P2 = -2, F3 = 1 | | | |
| génotype | [a] = 2 | [d] = 4 | [d]/[a] = 2.00 |

Inversement, ces résultats montrent que, dans le cas où les gènes favorables sont répartis, des parents de même phénotype peuvent produire des descendance intéressantes (et transgressantes). D'où l'intérêt :

- 1) de ne pas se limiter à choisir les parents selon leurs performances phénotypiques propres mais aussi d'après leur valeur en croisement ;
- 2) de réaliser un plus grand nombre de croisements et d'évaluer précocement leur capacité transgressive.

Le sens de la dominance à chaque locus a également un effet sur l'estimation des paramètres génétiques (tab 6). Une variance de dominance importante associée à un effet faible est un signe de dominance ambidirectionnelle².

Tableau 6.- Situation à deux gènes avec dominance ambidirectionnelle (modèle A-D sans épistasie).

| Structure | valeur additive a | valeur de dominance | rapport de dominance |
|---|-------------------|---------------------|----------------------|
| gène A | a = 4 | d = -3 | d/a = -0.75 |
| gène B | a = 4 | d = 7 | d/a = 1.75 |
| génotype | [a] = 8 | [d] = 4 | [d]/[a] = 0.50 |
| variance | A = 32 | D = 58 | rac(D/A) = 1.35 |
| Si les gènes sont concentrés chez un seul parent (association ou <i>coupling</i>), P1 = 8 et P2 = -8, F3 = 1 | | | |
| ensemble | [a] = 8 | [d] = 4 | [d]/[a] = 0.50 |
| Si les gènes sont répartis entre les parents (dispersion ou <i>repulsion</i>), P1 = 0 et P2 = 0, F3 = 1 | | | |
| génotype | [a] = 0 | [d] = 4 | [d]/[a] tend vers ∞ |

² Parmi les gènes dominants, certains ont un effet favorable et d'autres défavorable.

2.2.2. Analyse génétique de la moyenne Le dispositif F3 peut également servir à estimer plusieurs paramètres génétiques permettant de mieux décrire l'hérédité du caractère. Le modèle présenté utilise la symbolique de Kearsey et Pooni (1996) dans laquelle les effets sont notés a (additif), d (dominance), a.a (épistasie *cis*) et d.d (épistasie *trans*)³.

Si on se limite aux effets de dominance, d, et d'interaction dominance x dominance, notés d.d, la moyenne de la génération F3 peut s'exprimer sous la forme :

$$\overline{F3} = m + \frac{1}{4} [d] + \frac{1}{16} [d.d] \quad (1)$$

De même, en présence d'épistasie de type additif x additif, a.a, la moyenne de chaque parent s'écrit :

$$\overline{P1} = m + [a] + [a.a] \quad (2)$$

$$\overline{P2} = m - [a] + [a.a] \quad (3)$$

d'où on tire :

$$m + [a.a] = \frac{(\overline{P1} + \overline{P2})}{2} \quad (4)$$

2.2.3. Analyse génétique de la variance La variance génétique totale de la génération F3 peut être décomposée en variance génétique entre lignées, notée $_G s^2_B$, et variance génétique intra-lignée, notée $_G s^2_W$.

Suivant la modélisation de Kearsey et Pooni (1996), et en se limitant aux 3 principales composantes de la variance génétique *ie* A, la variance d'additivité, D la variance de Dominance et AA, la variance d'épistasie *cis*, on peut écrire :

| | | |
|----------------------------------|--------------|----------------------------|
| Variance génétique totale = | $_G s^2 =$ | $3/4.A + 3/16.D + 9/16.AA$ |
| Variance génétique Inter-lignées | $_G s^2_B =$ | $1/2.A + 1/16.D + 1/4.AA$ |
| Variance génétique Intra-lignées | $_G s^2_W =$ | $1/4.A + 1/8.D + 5/16.AA$ |

✕ Si on met en place l'essai E.P. sans les parents, le modèle est réduit à un seul paramètre génétique car, à partir de 2 variances, on ne peut estimer que les deux paramètres les plus significatifs, *ie* la variance génétique additive A et la variance environnementale E.

En reprenant les espérances de carrés moyens présentés au paragraphe 1.1. et le modèle précédent, on a alors :

$$s^2_B = _G s^2_B = 1/2.A$$

$$s^2_W = _G s^2_W + V_E = 1/4.A + V_E$$

d'où

$$A = 2.s^2_B$$

$$V_E = s^2_W - 1/2.s^2_B$$

³ Ces notations sont équivalentes à celles proposées par Mather et Jinks (1982) et adoptées par Lançon *et al* (soumis) qui considèrent les effets d (= a), h (= d), i (= a.a) et l (= d.d)

✗ Si on intègre les parents dans l'essai E.P., on dispose, avec $(V_{P1}+V_{P2})/2$, d'une estimation parallèle de V_E . Si cette estimation est proche de celle réalisée avec le modèle simplifié, on peut l'accepter.

On dispose alors d'une équation supplémentaire qui permet d'estimer un 3^{ème} paramètre. Biologiquement, il est plus légitime de choisir le paramètre D plutôt que AA, même si le coefficient de AA est inférieur à celui de D.

Le système d'équations à résoudre devient :

$$V_E = (V_{P1}+V_{P2})/2$$

$$s^2_B = 1/2.A + 1/16.D$$

$$s^2_W = 1/4.A + 1/8.D + V_E$$

d'où

$$A = 4/3 (2 s^2_B - s^2_W + V_E)$$

$$D = 16/3 (2 s^2_W - s^2_B - 2 V_E)$$

Trois exemples d'application numérique pour le rendement égrenage⁴ sont proposés à l'annexe 1 :

- 1) sans les parents et avec un nombre de lignées identique dans chaque croisement ;
- 2) avec les parents et avec un nombre de lignées identique dans chaque croisement ;
- 3) avec les parents mais avec un nombre de lignées différent dans chaque croisement ;

3. L'ensemble du dispositif

3.1. Présentation

Un programme de sélection comprenant un dispositif E.P. est décrit au tableau 7. Après une génération d'autofécondation en F2, un échantillon d'au moins 30 lignées F3 par croisement est placé dans l'essai E.P.. Pour maîtriser la surface en essai tout en tenant compte de la densité de semis, la dimension des parcelles élémentaires est limitée à 6 x 0.8 m (20 plantes sur 4.8 m²). Sur la base de leur comportement dans cet essai, les meilleures lignées des meilleurs croisements intègrent la population de réserve puis la population principale dont les tailles sont limitées chacune à environ 100 génotypes.

Le reste du dispositif est identique aux dispositifs plus classiques. On notera cependant que l'évaluation de la productivité des croisements en F3 devrait permettre de réduire notablement le nombre de génotypes à tester sur station en ME, puisqu'à ce stade une évaluation en conditions réelles aura déjà été conduite.

L'objectif prioritaire d'un programme incluant un dispositif E.P. est l'amélioration des caractères peu hérithables et, en particulier, celle du rendement. Néanmoins, il doit conserver la plus grande place possible à l'amélioration des autres caractères économiquement importants. C'est pourquoi, en supposant que les corrélations en jeu sont faibles (Lançon, 1995), la génération F2 peut également faire l'objet d'une sélection pour des caractères hérithables comme, par exemple, le rendement à l'égrenage, le *seed index*, les arrachements de chalaze ou le taux de *seed coat fragments* (SCF).

⁴ Les données sont imaginaires mais elles peuvent être considérées comme réalistes

Tableau 7.- Description d'un dispositif avec évaluation précoce (sur la base de 10 croisements).

| Activités sur Station | Bases de calcul (1) | Dispositif complet |
|------------------------------|---|----------------------------|
| Sélection F2 | (10 + 2) lignes de 9 m par croisement | 10 x 86 m ² |
| Evaluation précoce | (2 parents + 30 lignées) x 3 rép x 6 m par croisement | 10 x 461 m ² |
| Population Réserve | 10 lignées HS x 2 rép x 9 m par croisement | 10 x 144 m ² |
| Population Principale | 10 lignées HS x 2 rép x 9 m par croisement | 10 x 144 m ² |
| Essai nouvelles lignées (ME) | 20 lignées x 5 rép x 20 m | 1600 m ² |
| Essai variétal | 8 génotypes x 6 rép x 3 x 20 m | 2304 m ² |
| <i>Ensemble</i> | | <i>12256 m²</i> |

(1) l'interligne est de 0.8 m

3.2. Coût

Les coûts respectifs d'un programme de sélection généalogique ou massale-pédigrée et d'un programme avec E.P. peuvent être comparés selon deux indicateurs arbitraires mais faciles à utiliser :

- 1) la surface d'essai ;
- 2) le nombre d'analyses technologiques en laboratoire.

Par rapport à un programme conduit en sélection généalogique ou en sélection massale-pédigrée, le terrain occupé par la population F3 est évidemment beaucoup plus vaste (tab. 8). Il faut en effet que le nombre de lignées observées soit suffisant pour être représentative de l'ensemble du croisement et inclure la plus grande partie de la variabilité du croisement, à la fois intra et inter-lignée.

Alors que 200 plantes peuvent représenter une F2, la F3 doit être structurée en au moins 30 lignées et une trentaine de plantes par lignée.

Compte tenu de la taille des parcelles expérimentales généralement disponibles en sélection et pour que la dimension de cet essai reste raisonnable, il est nécessaire

- 1) de réduire les parcelles élémentaires à leur plus petite dimension (6 m)
- 2) et d'observer les lignées à une densité élevée (0.3 x 0.8 m).

De cette façon, la population F3 d'un croisement occupe seulement 450 m².

Tableau 8.- Comparaison des surfaces requises par un dispositif en sélection généalogique avec celles requises par un dispositif avec évaluation précoce en F3 (exemple du Bénin).

| Activités sur Station | Sélection généalogique (1) | Evaluation Précoce |
|------------------------------|--|----------------------------|
| Croisements | 1.20 pour 1000 m ² de sélection | 1.20 |
| Sélection F2 | 25 à 30% du matériel en sélection | 10% |
| Sélection F3 (EP) | 25 à 30% du matériel en sélection | 55% |
| Sélection F4-.. | 40 à 45% du matériel en sélection | 35% |
| Essai lignées (ME) | 15 à 20% du dispositif sur station | 13% |
| Essai variétal | 15 à 20% du dispositif sur station | 19% |
| TOTAL (m²) | 13000 m² | 12256 m² |

(1) normes approximatives, d'après Lançon (1994) et revues pour un interligne de 0.8 m au lieu de 1 m

Le nombre d'analyses technologiques (tab. 9) est intéressant à considérer d'une part en tant que tel parce qu'il fait appel à l'expertise coûteuse d'un laboratoire spécialisé mais également parce qu'il constitue un indicateur du volume d'activités à mettre en oeuvre en laboratoire pendant l'inter campagne.

Dans le dispositif E.P., les analyses technologiques ne débutent qu'en F3 et seulement sur les lignées mais, en contrepartie, elle est renforcée dans les générations suivantes.

Tableau 9.- Nombre d'analyses pour 1 croisement réalisé.

| Activités sur Station | Sélection généalogique | Evaluation précoce |
|-----------------------|--------------------------|-------------------------------------|
| Sélection F2 | 70 souches | |
| Sélection F3 (EP) | 20 lignées et 50 souches | 2 x 30 lignées |
| Sélection F4 | 10 lignées et 35 souches | 1/2 x (30 lignées et 125 souches) * |
| Sélection F5 | 5 lignées et 20 souches | 1/2 x (30 lignées et 125 souches) |
| Sélection F6 et ... | 5 lignées et 10 souches | 1/2 x (5 lignées et 30 souches) |
| Ensemble | 225 | 230 |

* nota : le coefficient 1/2 tient compte de l'élimination en F3 de la moitié des croisements

Une sélection généalogique pratiquée dès la F2 mobilise à peu près le même nombre d'analyses par croisement (environ 200) qu'une sélection précoce en F3. Pour un programme d'amélioration génétique générant chaque année un nombre donné de croisements, la consommation sera donc identique.

Discussion

Les parents

En général, les variances des parents ont de bonnes chances de ne pas être cohérentes avec la variance environnementale estimée à partir de la variance intra des lignées F3. En effet, comme nous ne fixons pas toujours complètement le matériel génétique que nous utilisons en croisement, celui-ci est hétérogène et sa variance interne inclut une part de variation génétique : les hypothèses de bi-allélisme et d'homozygotie des parents ne sont pas parfaitement respectées et V_{P1} et V_{P2} sont supérieures à ce qu'elles devraient être.

Dans ce cas cependant, choisir les croisements à réaliser sur la seule base des performances des parents est trompeur et le test d'E.P. en F3 constitue un indicateur beaucoup plus fiable de la vraie valeur du croisement.

Si, d'autre part, les parents ont fixé une bonne balance interne par le jeu de relations épistatiques favorables, la moyenne du croisement sera probablement inférieure à la moyenne des parents. Mais si la dominance [d] en F3 n'est pas très forte, la moyenne des lignées F3 sera plus proche de m , la moyenne vraie des lignées dérivables, que la moyenne parentale.

Le dispositif d'homogénéisation

Lorsque, généralement pour des raisons économiques, l'autofécondation n'est pas pratiquée pendant plusieurs générations de sélection, les croisements entre génotypes non apparentés maintiennent un niveau d'hétérozygotie dans les lignées sélectionnées qui dépend du taux d'allogamie observé (Lançon, 1994). Le dispositif proposé, dit de sélection modale⁵, vise à recentrer la descendance d'une lignée sélectionnée autour d'un type morpho-technologique moyen. Il repose sur l'hypothèse qu'une plus grande homogénéité phénotypique entraîne une plus grande homozygotie. Mais faute de pouvoir être pratiquée pendant plusieurs générations, cette opération de recentrage est génétiquement peu efficace et il faudrait, autant que possible, lui préférer l'autofécondation malgré ses deux gros défauts :

- 1) un coût élevé, d'environ 150 à 200 HJ par croisement ;
- 2) la nécessité de récolter en deux lots, ce qui augmente les risques de mélange et peut limiter les disponibilités en semences utiles pour les essais de génération suivante.

Incidemment, on n'a jamais démontré que l'autofécondation ait un effet quelconque sur la qualité du coton graine récolté.

Conclusion

En se dotant de la capacité de trier, dans des conditions normales de culture, entre de nombreux croisements à un stade relativement précoce de la sélection, on peut orienter plus facilement un programme de sélection vers l'amélioration de caractères moins héritable que la qualité et le rendement à l'égrenage. Cette souplesse accrue permet de répondre plus facilement aux sollicitations nées des évolutions actuelles et prévisibles des filières africaines de production cotonnière.

⁵ Présentée par Arnold (1972) comme un outil de sélection conservatrice, la sélection modale consiste à éliminer les extrêmes autour d'un type "moyen" situé vers le mode d'une distribution.

Ces évolutions dessinent un nouvel environnement de sélection qui est propice à la définition d'une nouvelle hiérarchie des critères de sélection. L'importance économique du rendement à l'égrenage est indéniable et nos variétés disposent encore d'une avance au plan mondial. Par contre, la place des caractères technologiques devrait être mieux précisée en fonction de leurs retombées économiques réelles 1) pour l'ensemble de la filière (appui institutionnel) et 2) pour la recherche (intervention en partenariat). En effet, l'amélioration de ces caractères a un coût⁶ d'autant plus élevé que la pression de sélection sur la qualité est forte tandis que les commerciaux n'arrivent pas toujours à démontrer clairement la valorisation des qualités, pourtant reconnues, du coton africain⁷.

Enfin, il faudrait également considérer le poids relatif de chaque variable en fonction de son impact sur la santé ou la durabilité des filières : la productivité au champ d'abord⁸ mais aussi certains aspects environnementaux pour lesquels les apports de la transformation génétique, notamment, aux ressources génétiques sont très attendus.

Bibliographie

ARNOLD, M.H. ; 1972.- Modal selection in BP 52. *Cott. Gr. Rev.*, 49, 107-125.

CIRAD-CA ; 1997.- Manuel pour l'amélioration du cotonnier. D. Dessauw & B. Hau éd., Montpellier (France).

FOUILLOUX, G. ; 1981.- Sélection intra ou inter croisements chez les espèces autogames. *Sélectionneur Français*, 29, 53-59.

KEARSEY, M.J., POONI, H.S. ; 1996.- The genetical analysis of quantitative traits. *Chapman & Hall*, London

LANÇON, J., 1994.- L'amélioration du cotonnier au CIRAD-CA. Séminaire Traitements statistiques des essais de sélection, série *Colloques du CIRAD*, 275-293.

LANÇON, J., 1995.- Effet de la densité de semis en sélection sur l'amélioration génétique du cotonnier : interactions, structures de corrélations, hétérosis et valeur en lignées. *Université de Paris-Orsay*, thèse de Doctorat, 119 p.

⁶ Direct, en proportion du nombre d'analyses, et indirect, en perte de pression de sélection sur les autres critères

⁷ Ainsi, la finesse intrinsèque (exceptionnelle) ou la maturité de ce coton sont évoquées pour en tirer des arguments de moins value (micronaire insuffisant ou trop fort) et la bonne longueur est souvent dépréciée par la présence de contaminants.

⁸ La productivité pourrait être envisagée en relation avec des paramètres morphologiques précis, le rendement à l'hectare étant un paramètre muet sur le comportement de la plante vis à vis de l'environnement et sur sa stratégie d'installation de la production

LANÇON, J., CILAS, C., GALLAIS, A. ;- Predicting the performance of lines that can be derived from single cross hybrids in cotton.

1. Genetic effects. *Soumis*.

2. Line value. *Soumis*.

MATHER, K., JINKS, J.L. ; 1982.- Biometrical genetics, 3rd edn, *Chapman & Hall*, London

Articles ou ouvrages de référence

ALLARD, R.W. ; 1960.- Principles of plant breeding. *John Wiley & Sons*, New York

GALLAIS, A. ; 1979.- Le concept de valeur en lignées et son utilisation possible en sélection. *Ann. Amél. Plantes*, 29, 1-22.

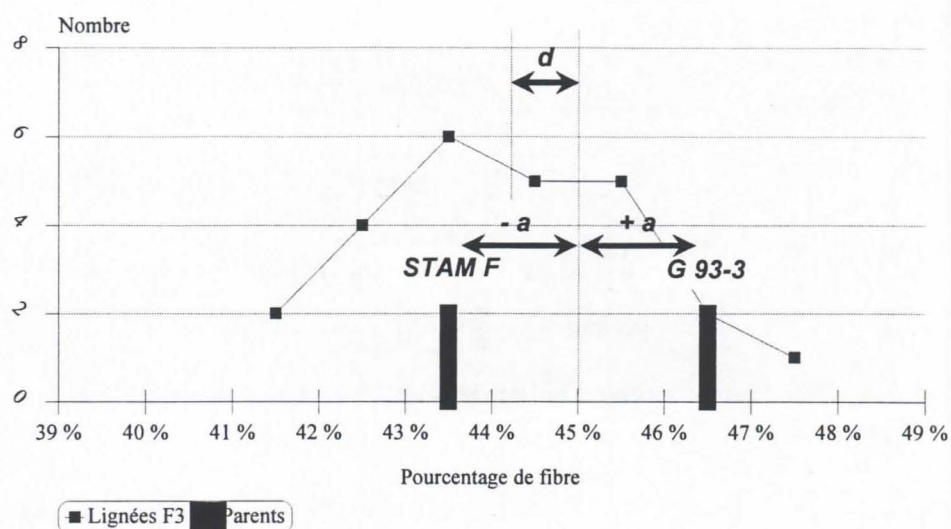
GALLAIS, A. ; 1990.- Théorie de la sélection en amélioration des plantes. *Masson*, Paris

VAN OOIJEN, J.W. ; 1989.- Estimation of additive genotypic variance with the F3 of autogamous crops. *Heredity*, 63 : 73-81.

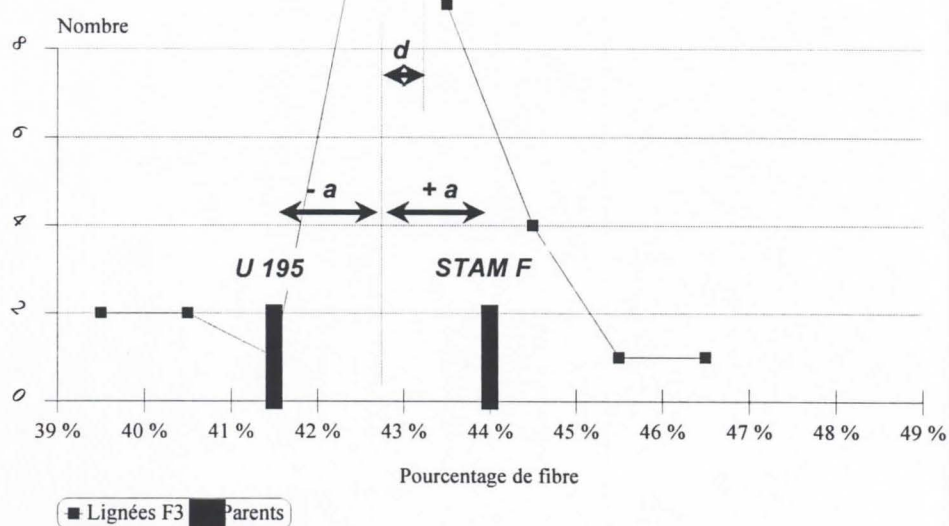
WEBER, W.E., QUALSET, C.O., WRICKE, G. ; 1990.- Chap 17. Selection strategies for the improvement of autogamous species. In "Plant population genetics, breeding, and genetic resources". *Brown, Clegg, Kahler and Weir ed*, Sunderland (USA), 299-316.

WRICKE, G., WEBER, W.E. ; 1986.- Quantitative genetics and selection in plant breeding. *W. de Gruyter*, Berlin.

Croisement G 93-3 x STAM F



Croisement STAM F x U 195



DISPOSITIF
SANS LES
PARENTS

Analyse individuelle de la variance

| Croisement A x B | F3 | r1 | r2 | moy | SS |
|------------------|----|------|------|-------------|------|
| A x B | 1 | 34.2 | 35.3 | 34.8 | 0.61 |
| A x B | 2 | 35.6 | 36.4 | 36.0 | 0.32 |
| A x B | 3 | 37.2 | 36.2 | 36.7 | 0.50 |
| A x B | 4 | 34.3 | 35.2 | 34.8 | 0.41 |
| A x B | 5 | 35.5 | 36.5 | 36.0 | 0.50 |
| moyenne | | 35.4 | 35.9 | 35.6 | 0.09 |

analyse de la variance du croisement

| | | | | |
|-------------------|------|---|------|---------|
| inter-lignées | 5.93 | 4 | 1.48 | 3.18 ns |
| intra-lignées | 2.33 | 5 | 0.47 | |
| s ² BI | 0.51 | | | |
| s ² WI | 0.47 | | | |

| | | | |
|---|-------------|------------------|------|
| A | 1.02 | h ² N | 0.71 |
| E | 0.21 | | |

| Croisement C x D | F3 | r1 | r2 | moy | SS |
|------------------|----|------|------|-------------|------|
| C x D | 6 | 38.9 | 38.8 | 38.9 | 0.01 |
| C x D | 7 | 38.5 | 37.9 | 38.2 | 0.18 |
| C x D | 8 | 39.2 | 39.9 | 39.6 | 0.25 |
| C x D | 9 | 39.6 | 38.5 | 39.1 | 0.61 |
| C x D | 10 | 37.8 | 38.3 | 38.1 | 0.13 |
| moyenne | | 38.8 | 38.7 | 38.7 | 0.05 |

analyse de la variance du croisement

| | | | | |
|-------------------|------|---|------|---------|
| inter-lignées | 3.06 | 4 | 0.77 | 3.30 ns |
| intra-lignées | 1.16 | 5 | 0.23 | |
| s ² BI | 0.27 | | | |
| s ² WI | 0.23 | | | |

| | | | |
|---|-------------|------------------|------|
| A | 0.53 | h ² N | 0.73 |
| E | 0.10 | | |

| Croisement E x F | F3 | r1 | r2 | moy | SS |
|------------------|----|------|------|-------------|------|
| E x F | 11 | 40.7 | 39.9 | 40.3 | 0.32 |
| E x F | 12 | 41.2 | 40.5 | 40.9 | 0.24 |
| E x F | 13 | 41.1 | 41.8 | 41.5 | 0.24 |
| E x F | 14 | 40.7 | 40.2 | 40.5 | 0.13 |
| E x F | 15 | 42.0 | 41.2 | 41.6 | 0.32 |
| moyenne | | 41.1 | 40.7 | 40.9 | 0.04 |

analyse de la variance du croisement

| | | | | |
|-------------------|------|---|------|---------|
| inter-lignées | 2.71 | 4 | 0.68 | 2.70 ns |
| intra-lignées | 1.25 | 5 | 0.25 | |
| s ² BI | 0.21 | | | |
| s ² WI | 0.25 | | | |

| | | | |
|---|-------------|------------------|------|
| A | 0.43 | h ² N | 0.60 |
| E | 0.14 | | |

Analyse générale de la variance

| | SS | DDL | CM | tests | Niv Sign |
|-------------------|--------|-----|-------|-------|----------|
| Croisement | 141.30 | 2 | 70.65 | 72.44 | ** |
| Lignée/croisement | 11.70 | 12 | 0.98 | 3.08 | * |
| Intra lignées | 4.75 | 15 | 0.32 | | |
| Total | 157.75 | 29 | | | |

ou bien

(moyenne des croisements)

| | | | | | |
|-------------------|-------------|------------------|------|-------------|-----------------------|
| Q(C) | 69.18 | | | | |
| s ² BI | 0.33 | | | 0.33 | |
| s ² WI | 0.32 | | | 0.32 | |
| A | 0.66 | h ² N | 0.68 | 0.66 | h ² N 0.68 |
| E | 0.15 | | | 0.15 | |

DISPOSITIF

EQUILIBRE

5 lignées / croisement

Analyse individuelle de la variance

| Croisement A x B | F3 | r1 | r2 | moy | SS |
|------------------|----|------|------|-------------|------|
| Parent A | | 34.2 | 34.5 | 34.4 | 0.05 |
| Parent B | | 36.6 | 35.8 | 36.2 | 0.32 |
| A x B | 1 | 34.2 | 35.3 | 34.8 | 0.61 |
| A x B | 2 | 35.6 | 36.4 | 36.0 | 0.32 |
| A x B | 3 | 37.2 | 36.2 | 36.7 | 0.50 |
| A x B | 4 | 34.3 | 35.2 | 34.8 | 0.41 |
| A x B | 5 | 35.5 | 36.5 | 36.0 | 0.50 |
| moyenne | | 35.4 | 35.9 | 35.6 | 0.09 |

analyse de la variance du croisement

| | | | | | |
|-------------------|-------------|------------------|------|-----------|------------|
| inter-lignées | 5.93 | 4 | 1.48 | 3.18 ns | |
| intra-lignées | 2.33 | 5 | 0.47 | | |
| s ² Bl | 0.51 | | | | +/- s |
| s ² Wl | 0.47 | | | m = | 35.28 0.30 |
| A | 0.98 | h ² N | 0.71 | [a] = | 0.93 0.30 |
| D | 0.31 | rac(D/A) | 0.56 | [d] = | 1.46 1.71 |
| E | 0.18 | | | [d]/[a] = | 1.58 |

| Croisement C x D | F3 | r1 | r2 | moy | SS |
|------------------|----|------|------|-------------|------|
| Parent C | | 39.3 | 39.2 | 39.3 | 0.01 |
| Parent D | | 38.0 | 37.5 | 37.8 | 0.13 |
| C x D | 6 | 38.9 | 38.8 | 38.9 | 0.01 |
| C x D | 7 | 38.5 | 37.9 | 38.2 | 0.18 |
| C x D | 8 | 39.2 | 39.9 | 39.6 | 0.25 |
| C x D | 9 | 39.6 | 38.5 | 39.1 | 0.61 |
| C x D | 10 | 37.8 | 38.3 | 38.1 | 0.13 |
| moyenne | | 38.8 | 38.7 | 38.7 | 0.05 |

analyse de la variance du croisement

| | | | | | |
|-------------------|-------------|------------------|------|-----------|------------|
| inter-lignées | 3.06 | 4 | 0.77 | 3.30 ns | |
| intra-lignées | 1.16 | 5 | 0.23 | | |
| s ² Bl | 0.27 | | | | +/- s |
| s ² Wl | 0.23 | | | m = | 38.50 0.18 |
| A | 0.49 | h ² N | 0.74 | [a] = | 0.75 0.18 |
| D | 0.36 | rac(D/A) | 0.85 | [d] = | 0.96 1.13 |
| E | 0.07 | | | [d]/[a] = | 1.28 |

| Croisement E x F | F3 | r1 | r2 | moy | SS |
|------------------|----|------|------|-------------|------|
| Parent E | | 39.8 | 39.3 | 39.6 | 0.13 |
| Parent F | | 42.5 | 42.0 | 42.3 | 0.13 |
| E x F | 11 | 40.7 | 39.9 | 40.3 | 0.32 |
| E x F | 12 | 41.2 | 40.5 | 40.9 | 0.24 |
| E x F | 13 | 41.1 | 41.8 | 41.5 | 0.24 |
| E x F | 14 | 40.7 | 40.2 | 40.5 | 0.13 |
| E x F | 15 | 42.0 | 41.2 | 41.6 | 0.32 |
| moyenne | | 41.1 | 40.7 | 40.9 | 0.04 |

analyse de la variance du croisement

| | | | | | |
|-------------------|-------------|------------------|------|-----------|------------|
| inter-lignées | 2.71 | 4 | 0.68 | 2.70 ns | |
| intra-lignées | 1.25 | 5 | 0.25 | | |
| s ² Bl | 0.21 | | | | +/- s |
| s ² Wl | 0.25 | | | m = | 40.90 0.25 |
| A | 0.40 | h ² N | 0.59 | [a] = | 1.35 0.25 |
| D | 0.21 | rac(D/A) | 0.72 | [d] = | 0.12 1.31 |
| E | 0.13 | | | [d]/[a] = | 0.09 |

Analyse générale de la variance

| | SS | DDL | CM | tests | Niv Sign |
|-------------------|-------------|------------------|-------|---------------------------|-----------------------|
| Croisement | 141.30 | 2 | 70.65 | 72.44 | ** |
| Lignée/croisement | 11.70 | 12 | 0.98 | 3.08 | * |
| Intra lignées | 4.75 | 15 | 0.32 | | |
| Total | 157.75 | 29 | | | |
| Q(C) | 2.31 | | | ou bien | |
| s ² Bl | 0.33 | | | (moyenne des croisements) | |
| s ² Wl | 0.32 | | | 0.33 | |
| A | 0.62 | h ² N | 0.69 | 0.62 | h ² N 0.69 |
| D | 0.29 | rac(D/A) | 0.69 | 0.29 | rac(D/A) 0.69 |
| E | 0.12 | | | 0.12 | |

DISPOSITIF
DE SEQUILIBRE

Analyse individuelle de la variance

| Croisement A x B | F3 | r1 | r2 | moy | SS |
|------------------|----|------|------|-------------|------|
| Parent A | | 34.0 | 34.4 | 34.2 | 0.08 |
| Parent B | | 36.2 | 36.5 | 36.4 | 0.05 |
| A x B | 1 | 33.8 | 35.0 | 34.4 | 0.72 |
| A x B | 2 | 35.1 | 36.0 | 35.6 | 0.41 |
| A x B | 3 | 35.5 | 34.5 | 35.0 | 0.50 |
| A x B | 4 | 36.6 | 35.5 | 36.1 | 0.61 |
| A x B | 5 | 36.4 | 37.2 | 36.8 | 0.32 |
| A x B | 6 | 35.1 | 34.1 | 34.6 | 0.50 |
| A x B | 7 | 35.0 | 35.7 | 35.4 | 0.24 |
| moyenne | | 35.4 | 35.4 | 35.4 | 0.06 |

analyse de la variance du croisement

| | | | | | |
|-------------------|-------------|------------------|------|-----------|-------|
| inter-lignées | 8.41 | 6 | 1.40 | 2.98 * | |
| intra-lignées | 3.30 | 7 | 0.47 | | |
| s ² BI | 0.47 | | | | |
| s ² WI | 0.47 | | | m = | 35.28 |
| A | 0.70 | h ² N | 0.66 | [a] = | 1.07 |
| D | 1.87 | rac(D/A) | 1.64 | [d] = | 0.47 |
| E | 0.06 | | | [d]/[a] = | 0.44 |

| Croisement C x D | F3 | r1 | r2 | moy | SS |
|------------------|----|------|------|-------------|------|
| Parent C | | 39.3 | 39.2 | 39.3 | 0.01 |
| Parent D | | 38.0 | 37.5 | 37.8 | 0.13 |
| C x D | 8 | 38.9 | 38.8 | 38.9 | 0.01 |
| C x D | 9 | 38.5 | 37.9 | 38.2 | 0.18 |
| C x D | 10 | 39.2 | 39.9 | 39.6 | 0.25 |
| C x D | 11 | 39.6 | 38.5 | 39.1 | 0.61 |
| C x D | 12 | 37.8 | 38.3 | 38.1 | 0.13 |
| moyenne | | 38.8 | 38.7 | 38.7 | 0.05 |

analyse de la variance du croisement

| | | | | | |
|-------------------|-------------|------------------|------|-----------|-------|
| inter-lignées | 3.06 | 4 | 0.77 | 3.30 ns | |
| intra-lignées | 1.16 | 5 | 0.23 | | |
| s ² BI | 0.27 | | | | |
| s ² WI | 0.23 | | | m = | 38.50 |
| A | 0.49 | h ² N | 0.74 | [a] = | 0.75 |
| D | 0.36 | rac(D/A) | 0.85 | [d] = | 0.96 |
| E | 0.07 | | | [d]/[a] = | 1.28 |

| Croisement E x F | F3 | r1 | r2 | moy | SS |
|------------------|----|------|------|-------------|------|
| Parent E | | 39.8 | 39.3 | 39.6 | 0.13 |
| Parent F | | 42.5 | 42.0 | 42.3 | 0.13 |
| E x F | 13 | 40.7 | 40.0 | 40.4 | 0.24 |
| E x F | 14 | 41.3 | 41.8 | 41.6 | 0.13 |
| E x F | 15 | 40.7 | 41.5 | 41.1 | 0.32 |
| E x F | 16 | 42.0 | 41.2 | 41.6 | 0.32 |
| moyenne | | 41.2 | 41.1 | 41.2 | 0.05 |

analyse de la variance du croisement

| | | | | | |
|-------------------|-------------|------------------|------|-----------|-------|
| inter-lignées | 2.01 | 3 | 0.67 | 2.65 ns | |
| intra-lignées | 1.01 | 4 | 0.25 | | |
| s ² BI | 0.21 | | | | |
| s ² WI | 0.25 | | | m = | 40.90 |
| A | 0.39 | h ² N | 0.58 | [a] = | 1.35 |
| D | 0.25 | rac(D/A) | 0.80 | [d] = | 1.00 |
| E | 0.13 | | | [d]/[a] = | 0.74 |

Analyse générale de la variance

| | SS | DDL | CM | tests | Niv Sign |
|-------------------|--------|-----|-------|-------|----------|
| Croisement | 179.54 | 2 | 89.77 | 86.52 | ** |
| Lignée/croisement | 13.49 | 13 | 1.04 | 3.04 | * |
| Intra lignées | 5.47 | 16 | 0.34 | | |
| Total | 198.49 | 31 | | | |

| | | | | | |
|-------------------|-------------|------------------|------|---------------------------|------------------|
| Q(C) | 2.77 | | | ou bien | |
| s ² BI | 0.35 | | | (moyenne des croisements) | |
| s ² WI | 0.34 | | | 0.31 | |
| A | 0.58 | h ² N | 0.68 | 0.52 | h ² N |
| D | 0.89 | rac(D/A) | 1.23 | 0.82 | rac(D/A) |
| E | 0.08 | | | 0.08 | |